

เอกสารวิชาการฉบับที่ ๙/๒๕๕๐



Technical Paper No.9/2007

วิเคราะห์เปรียบเทียบความแปรปรวนทางพันธุกรรมโดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรมอัลโลไซม์
ระหว่างประชากรกึ่งก้ามกรามที่เกิดจากระบบการผสมข้ามของ ๓ สายพันธุ์
Allozyme Marker Based Comparison on Genetic Variation among
***Macrobrachium rosenbergii* Populations Produced from a Cross-Breeding System**
of Three Different Stocks

พนม กระจำพจน์ สอดสุข
สุภัทรา อุไรวรรณ
ศรียรัตน์ สอดสุข

Panom K. Sodsuk
Supattra Uraiwan
Srirat Sodsuk

สถาบันวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ
กรมประมง
กระทรวงเกษตรและสหกรณ์

Aquatic Animal Genetics Research and
Development Institute
Department of Fisheries
Ministry of Agriculture and Cooperatives

	หน้า
บทคัดย่อ.....	1
Abstract.....	3
คำนำ.....	5
วัตถุประสงค์.....	6
อุปกรณ์และวิธีการ.....	6
ตัวอย่างที่ใช้ในการศึกษาวิเคราะห์ และขั้นตอนการดำเนินงานโดยรวม.....	6
การวิเคราะห์ตัวอย่างในห้องปฏิบัติการ.....	7
การคำนวณและวิเคราะห์ข้อมูล.....	7
ผลการศึกษาและวิจารณ์.....	7
ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของประชากรพ่อแม่ 3 สายพันธุ์.....	7
ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของประชากรลูกพันธุ์ทั้ง 9 ครอส.....	8
ผลประโยชน์ที่เกิดขึ้น.....	9
กิตติกรรมประกาศ.....	12
เอกสารอ้างอิง.....	12
ภาคผนวก.....	14

วิเคราะห์เปรียบเทียบความแปรปรวนทางพันธุกรรมโดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรมอัลโลไซม์ ระหว่างประชากรกึ่งก้ามกรามที่เกิดจากระบบการผสมข้ามของ 3 สายพันธุ์

พนม กระอาจพจน์ สอดสุข* สุภัทรา อุไรวรรณ และ ศรีรัตน์ สอดสุข

*สถาบันวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ กรมประมง

บทคัดย่อ

แนวทางหนึ่งของการพัฒนาพันธุ์สัตว์น้ำเพื่อยกระดับคุณภาพของพันธุ์ให้ดียิ่งขึ้น ทั้งในด้านลักษณะปรากฏที่ต้องการ และในด้านความหลากหลายหรือความแปรปรวนทางพันธุกรรม ได้แก่ การผสมข้ามระหว่างต่างสายพันธุ์ ด้วยเหตุนี้ การพัฒนาพันธุ์กึ่งก้ามกรามที่มีอยู่แล้วของสถาบันวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ เพื่อให้ได้พันธุ์ที่มีคุณภาพดียิ่งขึ้นทั้งในด้านลักษณะการเจริญเติบโตที่ปรากฏให้เห็น และในด้านความแปรปรวนทางพันธุกรรม จึงได้ถูกดำเนินการภายใต้โครงการคู่ขนาน 2 โครงการ คือ (1) “วิเคราะห์เปรียบเทียบความแปรปรวนทางพันธุกรรมโดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรมอัลโลไซม์ระหว่างประชากรกึ่งก้ามกรามที่เกิดจากระบบการผสมข้ามของ 3 สายพันธุ์” (พนม และคณะ, 2549) และ (2) “ทดสอบคุณสมบัติด้านการเจริญเติบโตของกึ่งก้ามกรามที่ได้จากวิธีการผสมสลับ 3 สายพันธุ์” (สุภัทรา และคณะ, 2549)

โครงการ “วิเคราะห์เปรียบเทียบความแปรปรวนทางพันธุกรรมโดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรมอัลโลไซม์ระหว่างประชากรกึ่งก้ามกรามที่เกิดจากระบบการผสมข้ามของ 3 สายพันธุ์” ได้ถูกดำเนินการโดยมีวัตถุประสงค์เพื่อวิเคราะห์เปรียบเทียบความแปรปรวนทางพันธุกรรม (1) ระหว่างประชากรกึ่งก้ามกรามที่เป็นรุ่นพ่อแม่ 3 สายพันธุ์ คือ พันธุ์สพก. พันธุ์จากฟาร์มเอกชนจังหวัดเพชรบุรี และพันธุ์ธรรมชาติจากแม่น้ำจันทบุรี และ (2) ระหว่างประชากรกึ่งก้ามกราม 9 ครอส (crosses) ซึ่งเป็นรุ่นลูกที่เกิดจากระบบการผสมข้ามของพ่อแม่ 3 สายพันธุ์ โดยการผสมสลับต่างสายพันธุ์ (reciprocal cross) และผสมภายในสายพันธุ์เดียวกัน ภายใต้การใช้เทคโนโลยีเครื่องหมายพันธุกรรมอัลโลไซม์ ทั้งนี้เพื่อให้ทราบว่า ความแปรปรวนหรือความหลากหลายทางพันธุกรรม (ซึ่งบ่งบอกถึงศักยภาพและคุณภาพทางพันธุกรรมของพันธุ์) จะต่างกันหรือไม่อย่างไร ระหว่างกึ่งก้ามกราม 3 สายพันธุ์ที่เป็นรุ่นพ่อแม่ และระหว่างกึ่งก้ามกราม 9 ครอสที่เป็นรุ่นลูก

ผลการวิเคราะห์ปรากฏว่า ปริมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมซึ่งตรวจวัดในรูปจำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อโลกัส (number of alleles per locus, NoA) และค่าสังเกตเฮเทอโรไซโกสซิติ (observable heterozygosity, H) ของ 3 สายพันธุ์ที่เป็นรุ่นพ่อแม่มีค่า $NoA = 1.20 (\pm 0.10) - 1.44 (\pm 0.13)$ และ $H = 0.023 (\pm 0.014) - 0.043 (\pm 0.018)$ ซึ่งอยู่ในระดับที่ใกล้เคียงกับที่เคยมีการศึกษาไว้แล้วในประชากรกึ่งก้ามกรามจากแหล่งธรรมชาติต่าง ๆ ของไทย ($NoA = 1.29 - 1.33$ และ $H = 0.027 - 0.036$, ศรีรัตน์ และพนม, 2541)

และ ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ ($p > 0.05$) แสดงว่า ประชากรทั้ง 3 สายพันธุ์สามารถใช้เป็นพ่อแม่พันธุ์ เริ่มต้นของการพัฒนาปรับปรุงพันธุ์ได้ และมีศักยภาพของการเป็นพ่อแม่พันธุ์ทดเทียมกัน ส่วนปริมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมของกึ่งก้ามกราม 9 ครอสที่เป็นรุ่นลูก มีค่า $NoA = 1.11 (\pm 0.07) - 1.53 (\pm 0.14)$ และ $H = 0.010 (\pm 0.007) - 0.042 (\pm 0.027)$ ซึ่งอยู่ในระดับที่ใกล้เคียงกับที่เคยมีการศึกษาไว้แล้ว (ศรรัตน์ และพนม, 2541) และ ไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ ($p > 0.05$) เช่นเดียวกัน ผลที่ปรากฏออกมาเช่นนี้ ช่วยทำให้การเลือกคู่ผสมที่แสดงการเจริญเติบโตดีที่สุดจากการนำไปทดสอบเลี้ยงในแต่ละพื้นที่ (สุภัทรา และคณะ, 2549) เพื่อใช้เป็นพันธุ์เริ่มต้นในการคัดเลือกปรับปรุงพันธุ์ของแต่ละพื้นที่ต่อไปนั้น สามารถดำเนินการได้อย่างมั่นใจ มีประสิทธิภาพ และเกิดประสิทธิผลสูงสุด

คำสำคัญ : กึ่งก้ามกราม ความแปรปรวนทางพันธุกรรม เครื่องหมายพันธุกรรมอัลโลไซม์ การผสมข้าม

กองวิจัยและพัฒนาพันธุ์กรรมสัตว์น้ำ

Allozyme Marker Based Comparison on Genetic Variation among *Macrobrachium rosenbergii* Populations Produced from a Cross-Breeding System of Three Different Stocks

Panom K. Sodsuk* Supattra Uraiwan and Srirat Sodsuk

*Aquatic Animal Genetics Research and Development Institute, Department of Fisheries

Abstract

An aquatic animal development to produce the stock of better qualities, both in aquacultural performance and genetic diversity or variation, is the cross-breeding between different stocks. Following this, the *Macrobrachium rosenbergii* hatchery stock of the Aquatic Animal Genetics Research and Development Institute (AAGRDI) has been developed to obtain the better qualities of growth performance and genetic variation initially by two parallel projects, (1) the “Allozyme marker based comparison on genetic variation among *Macrobrachium rosenbergii* populations produced from a cross-breeding system of three different stocks” (Sodsuk *et al.*, 2006) and (2) the “Growth tests of giant freshwater prawn, *Macrobrachium rosenbergii*, by a reciprocal cross of three different stocks” (Uraiwan *et al.*, 2006).

Implementing allozymically genetic marker technology, the project “Allozyme marker based comparison on genetic variation among *Macrobrachium rosenbergii* populations produced from a cross-breeding system of three different stocks” was carried out with the objective of genetic variation comparison among: (1) three different original stocks, the AAGRDI, Phetchaburi private farm and wild Chanthaburi River, which were the parental generation, and (2) nine progeny populations produced from reciprocal cross and intra-stock breeding of the three parental stocks. This was to know whether and how the genetic variation would be different among the three parental stocks and among the nine progeny populations, inferring the genetic potential and quality of each stock and population.

The resulting genetic variation amounts, by number of alleles per locus (NoA) and observable heterozygosity (H), of the three parental stocks which were ranged respectively from 1.20 (± 0.10) to 1.44 (± 0.13) and from 0.023 (± 0.014) to 0.043 (± 0.018) were about the same level as those of natural stocks (NoA = 1.29 – 1.33 and H = 0.027 – 0.036; Sodsuk and Sodsuk, 1998) and were not significantly different among each other, suggesting not only that the validity of the three stocks to be

* 39 Moo 1, Khlong Ha, Khlong Luang, Pathumthani 12120, THAILAND. Tel. +66 (0) 2 577 6544 E-mail : panomks@yahoo.com

used as based population for genetic improvement via selective breeding program but also their equal broodstock potentials. Similarly, the genetic variation appeared in the nine progeny populations, $NoA = 1.11 (\pm 0.07) - 1.53 (\pm 0.14)$ and $H = 0.010 (\pm 0.007) - 0.042 (\pm 0.027)$, which were about the same level as those of natural stocks (Sodsuk and Sodsuk, 1998) and were not significantly different among each other, inferred the same suggestion. This inference is tremendously helpful as the best cross performing the best growth to be used as based population in selective breeding program of each different area appropriately tested (Uraiwan *et al.*, 2006) is confidently selectable with the most efficiency and effectiveness succeeded.

Key words : *Macrobrachium rosenbergii*, genetic variation, allozymically genetic marker, cross-breeding.

คำนำ

เป็นเวลาหลายทศวรรษมาแล้วที่กุ้งก้ามกราม (*Macrobrachium rosenbergii*) ได้ถูกเพาะพันธุ์จากธรรมชาติจนกลายมาเป็นพันธุ์เพาะเลี้ยง (domesticated) ซึ่งปัจจุบันปรากฏอยู่ในพื้นที่หลายแห่งโดยเฉพาะในบริเวณพื้นที่ภาคกลางของประเทศ แต่ในขณะเดียวกันการเพาะพันธุ์กุ้งก้ามกราม (พันธุ์เพาะเลี้ยง) ก็ได้ถูกดำเนินการโดยมิได้คำนึงถึงการดำรงรักษาพันธุ์ และพัฒนาปรับปรุงพันธุ์อย่างเป็นระบบ มาเป็นเวลานานหลายสิบปี จึงทำให้เกิดการเสื่อมโทรมของสายพันธุ์ (กุ้งหัวโต ตัวเล็ก โตช้า อ่อนแอ ฯลฯ) ปรากฏให้เห็นในหลายพื้นที่เช่นกัน

แนวทางหนึ่งของการพัฒนาปรับปรุงพันธุ์สัตว์น้ำอย่างเป็นระบบ เพื่อยกระดับคุณภาพของพันธุ์ให้ดียิ่งขึ้น ทั้งในด้านลักษณะปรากฏที่ต้องการ และในด้านความหลากหลายหรือความแปรปรวนทางพันธุกรรม (ซึ่งบ่งบอกถึงศักยภาพและคุณภาพทางพันธุกรรมของพันธุ์) ได้แก่ การผสมข้ามระหว่างต่างสายพันธุ์ (interstocks cross-breeding) ด้วยเหตุนี้ การพัฒนาพันธุ์กุ้งก้ามกรามที่มีอยู่แล้วของสถาบันวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ (สพก.) เพื่อให้ได้พันธุ์ที่มีคุณภาพดียิ่งขึ้นทั้งในด้านลักษณะการเจริญเติบโตที่ปรากฏให้เห็น และในด้านความแปรปรวนทางพันธุกรรม จึงได้เริ่มต้นดำเนินการอย่างเป็นระบบภายใต้โครงการชูกานาน 2 โครงการ คือ (1) “วิเคราะห์เปรียบเทียบความแปรปรวนทางพันธุกรรมโดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรมอัลโลไซม์ระหว่างประชากรกุ้งก้ามกรามที่เกิดจากระบบการผสมข้ามของ 3 สายพันธุ์” (พนม และคณะ, 2549) และ (2) “ทดสอบคุณสมบัติด้านการเจริญเติบโตของกุ้งก้ามกรามที่ได้จากวิธีการผสมกลับ 3 สายพันธุ์” (สุภัทรา และคณะ, 2549)

เทคโนโลยีเครื่องหมายพันธุกรรมโมเลกุล (molecular genetic marker technology) ในระดับเอนไซม์/โปรตีน ที่รู้จักกันดี ได้แก่ เครื่องหมายพันธุกรรมอัลโลไซม์ (allozymically genetic marker) ยังเป็นเทคโนโลยีที่มีการยอมรับอย่างกว้างขวางว่ามีกำลังความสามารถเพียงพอสำหรับการศึกษาด้านความหลากหลายหรือความแปรปรวนทางพันธุกรรม (Ward and Grewe, 1995) ซึ่งในประเทศไทยได้มีการใช้เทคโนโลยีนี้กับการศึกษาดังกล่าวในสัตว์น้ำประเภทกุ้งได้ผลเป็นที่น่าพอใจมาแล้ว ทั้งในกุ้งทะเล ได้แก่ กุ้งกุลาดำ (ศรีรัตน์, 2539; พนม และคณะ, 2548) และกุ้งแชบ๊วย (ศรีรัตน์ และพนม, 2541 ก) และในกุ้งน้ำจืด ได้แก่ กุ้งก้ามกราม (ศรีรัตน์ และพนม, 2541 ข)

ด้วยเหตุผลเหล่านี้ โครงการ “วิเคราะห์เปรียบเทียบความแปรปรวนทางพันธุกรรมโดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรมอัลโลไซม์ระหว่างประชากรกุ้งก้ามกรามที่เกิดจากระบบการผสมข้ามของ 3 สายพันธุ์” (พนม และคณะ, 2549) จึงได้ถูกดำเนินการ เพื่อวิเคราะห์เปรียบเทียบความแปรปรวนทางพันธุกรรม ระหว่างประชากรกุ้งก้ามกรามที่เป็นรุ่นพ่อแม่ 3 สายพันธุ์ (stocks) คือ พันธุ์สพก. พันธุ์จากฟาร์มเอกชนจังหวัดเพชรบุรี และพันธุ์ธรรมชาติจากแม่น้ำจันทบุรี และระหว่างประชากรกุ้งก้ามกราม 9 ครอส (crosses) ซึ่งเป็นรุ่นลูกที่เกิดจากระบบการผสมข้ามของพ่อแม่ 3 สายพันธุ์ โดยการผสมกลับต่างสายพันธุ์ (reciprocal cross) และผสมภายในสายพันธุ์เดียวกัน ภายใต้การใช้เทคโนโลยีเครื่องหมายพันธุกรรมอัลโลไซม์ในการศึกษาวิเคราะห์ตัวอย่างในห้องปฏิบัติการ ทั้งนี้เพื่อให้ทราบว่า ความแปรปรวนหรือความหลากหลายทางพันธุกรรม (ซึ่งบ่งบอกถึงศักยภาพและคุณภาพทางพันธุกรรมของพันธุ์) จะต่างกันหรือไม่อย่างไร ระหว่างกุ้งก้ามกราม 3 สายพันธุ์ที่เป็นรุ่นพ่อแม่ และระหว่างกุ้งก้ามกราม 9 ครอสที่เป็นรุ่นลูก

วัตถุประสงค์

วิเคราะห์เปรียบเทียบปริมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรม โดยใช้เทคโนโลยีเครื่องหมายพันธุกรรมอัลโลไซม์ ระหว่าง :

- (1) ประชากรกึ่งก้ามกรามที่เป็นรุ่นพ่อแม่ 3 สายพันธุ์ (พันธุ์สปก. พันธุ์จากฟาร์มเอกชนจังหวัดเพชรบุรี และพันธุ์ธรรมชาติจากแม่น้ำจันทบุรี)
- (2) ประชากรกึ่งก้ามกราม 9 ครอส ซึ่งเป็นรุ่นลูกที่เกิดจากระบบการผสมข้ามของพ่อแม่ 3 สายพันธุ์ ในข้อ (1)

อุปกรณ์และวิธีการ

ตัวอย่างที่ใช้ในการศึกษาวิเคราะห์ และขั้นตอนการดำเนินงานโดยรวม

โดยที่โครงการ “วิเคราะห์เปรียบเทียบความแปรปรวนทางพันธุกรรมโดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรมอัลโลไซม์ระหว่างประชากรกึ่งก้ามกรามที่เกิดจากระบบการผสมข้ามของ 3 สายพันธุ์” (พนม และคณะ, 2549) และโครงการ “ทดสอบคุณสมบัติด้านการเจริญเติบโตของกึ่งก้ามกรามที่ได้จากวิธีการผสมสลับ 3 สายพันธุ์” (สุภัทรา และคณะ, 2549) ได้ถูกดำเนินการอย่างเป็นระบบควบคู่กันไป ดังนั้น ตัวอย่างกึ่งก้ามกรามที่ใช้ในการศึกษาวิเคราะห์ของโครงการแรก (พนม และคณะ, 2549) จึงได้จากการสุ่มจากประชากรกึ่งที่เกิดจากการดำเนินงานด้านการเพาะเลี้ยงของโครงการที่สอง (สุภัทรา และคณะ, 2549) โดยมีขั้นตอนการดำเนินงานโดยรวม ซึ่งอยู่ในช่วงระหว่างปีพ.ศ. 2545-2548 สรุปได้ดังนี้

(1) ปี 2545-2546 รวบรวมพันธุ์จาก 3 แหล่งพันธุ์ (stocks) ได้แก่ พันธุ์สปก. (AAGRDI) พันธุ์จากฟาร์มเอกชนจังหวัดเพชรบุรี (Farm) และพันธุ์ธรรมชาติจากแม่น้ำจันทบุรี (Wild) ทำการเพาะเลี้ยงจนได้ลูกของแต่ละสายพันธุ์ จึงทำการเก็บตัวอย่างจำนวนสายพันธุ์ละประมาณ 40-60 ตัว โดยตัดเฉาะส่วนขาว่ายน้ำ (pleopods) ของแต่ละตัวใส่ใน microtube ไม่ให้ปะปนกัน แล้วนำไปเก็บรักษาในตู้แช่แข็งที่อุณหภูมิต่ำกว่า -70°C เพื่อการวิเคราะห์ในห้องปฏิบัติการด้วยเทคนิคเครื่องหมายพันธุกรรมอัลโลไซม์ ต่อไป

(2) ปี 2546-2547 ลูกของแต่ละสายพันธุ์ที่ได้ในข้อ (1) ถูกเลี้ยงเป็นพ่อแม่พันธุ์ และจับคู่ผสมหรือครอส (cross) ทั้งภายในสายพันธุ์เดียวกัน (intra-stock) และระหว่างต่างสายพันธุ์ (inter-stock) แบบสลับ (reciprocal cross) ดังนั้น จึงทำให้ได้ลูกพันธุ์ทั้งหมดจำนวน 9 ประชากร จากจำนวน 9 ครอส (3 ครอส จากการผสมภายในสายพันธุ์เดียวกัน และอีก 6 ครอส จากการผสมระหว่างต่างสายพันธุ์แบบสลับ ตามที่แสดงใน ตารางที่ 2)

(3) ปี 2547-2548 ประชากรลูกพันธุ์ 9 ครอส ถูกเลี้ยงแยกกัน แล้วทำการเก็บตัวอย่างเพื่อการวิเคราะห์ในห้องปฏิบัติการ โดยดำเนินการเช่นเดียวกับขั้นตอนในข้อ (1)

การวิเคราะห์ตัวอย่างในห้องปฏิบัติการ

ทำการวิเคราะห์ตัวอย่าง (ข่าวน้ำที่ถูกเก็บแช่แข็งไว้) ในห้องปฏิบัติการด้วยเทคนิคเครื่องหมายพันธุกรรมอัลโลไซม์ ที่จำนวน 19-25 อัลโลไซม์โลไซ (allozyme loci) โดยมีขั้นตอนและวิธีการปฏิบัติโดยรวมตาม ศรีรัตน์ และพนม (2541 ข) ซึ่งได้รายงานไว้ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรกึ่งก้ามกรามจากแหล่งธรรมชาติ 3 แหล่งของไทย (ฉะเชิงเทรา สุราษฎร์ธานี และสงขลา)

การเขียนและให้ชื่อยีนเป็น โลกัส (locus) หรือ โลไซ (loci) (ตารางผนวกที่ 1-3) แก่ข้อมูลที่ปรากฏจากเทคนิคเครื่องหมายพันธุกรรมอัลโลไซม์ (ภาพผนวกที่ 1) ใช้ตามระบบของ Shaklee *et al.* (1990)

การคำนวณและวิเคราะห์ข้อมูล

ข้อมูลพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ในห้องปฏิบัติการทั้งหมด ถูกรวบรวมและคำนวณเป็นค่าความผันแปรทางพันธุกรรม (genetic variabilities) ได้แก่ ค่าจำนวนอัลลีล (number of alleles, NoA) และค่าสังเกตเฮเทอโรไซโกสซิติ (observable heterozygosity, H) ซึ่งอยู่ในรูปค่าเฉลี่ยต่อโลกัส (per locus average) ค่าดังกล่าวนิยมใช้ในการตรวจวัดปริมาณความหลากหลาย/แปรปรวนทางพันธุกรรม (Allendorf and Ryman, 1987) และมีการใช้กับการศึกษาในประชากรสัตว์น้ำที่ผ่านการเพาะเลี้ยง ได้ผลเป็นที่น่าพอใจมาแล้ว (Falconer, 1981; Kincaid, 1983; พนม และคณะ, 2544; พนม และคณะ, 2548) การคำนวณข้อมูลในส่วนนี้ทั้งหมดโดยใช้ซอฟต์แวร์ที่มีชื่อว่า BIOSYS-1 release 1.7 ของ Swofford and Selander (1989) ซึ่งเป็นโปรแกรมคอมพิวเตอร์ที่ใช้สำหรับการศึกษาด้านพันธุศาสตร์ประชากรโดยเฉพาะ

ทำการวิเคราะห์เปรียบเทียบค่าที่ระบุปริมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมในรูป H และ NoA ที่ตรวจวัดได้ในระหว่างกึ่งก้ามกราม 3 สายพันธุ์ที่เป็นรุ่นพ่อแม่ และระหว่างกึ่งก้ามกราม 9 ครอสที่เป็นรุ่นลูกโดยวิธีทางสถิติ ตามวิธีของ Sokal and Rohlf (1981) และ Ward *et al.* (1994) การวิเคราะห์ข้อมูลในส่วนนี้ดำเนินการโดยใช้โปรแกรมคอมพิวเตอร์ที่มีชื่อว่า SYSTAT ของ Wilkinson *et al.* (1992)

ผลการศึกษาและวิจารณ์

ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของประชากรพ่อแม่ 3 สายพันธุ์

ความแปรปรวนทางพันธุกรรม โดยค่าความผันแปรทางพันธุกรรม ได้แก่ ค่า NoA (จำนวนอัลลีล) และ H (เฮเทอโรไซโกสซิติ) เฉลี่ยต่อโลกัส ของประชากรพ่อแม่ 3 สายพันธุ์เริ่มต้น ปรากฏตามที่แสดงในตารางที่ 1 ซึ่งแสดงค่า NoA อยู่ระหว่าง 1.20 (± 0.10) – 1.44 (± 0.13) และ H ระหว่าง 0.023 (± 0.014) – 0.043 (± 0.018) (ค่า NoA และ H ที่แต่ละอัลโลไซม์โลกัส ของการวิเคราะห์ตัวอย่างที่จำนวน 25 อัลโลไซม์โลไซ ด้วยเทคนิคเครื่องหมายพันธุกรรมอัลโลไซม์ แสดงไว้ใน ตารางผนวกที่ 1) ปริมาณค่า NoA และ H ของประชากร 3 สายพันธุ์ที่ปรากฏออกมาดังกล่าว ยืนยันความสามารถของสายพันธุ์ที่จะถูกใช้เป็นพ่อแม่พันธุ์เริ่มต้นของการพัฒนาปรับปรุงพันธุ์ได้ เนื่องจากปริมาณที่ปรากฏ อยู่ในระดับเดียวกับ (หรือไม่ต่ำกว่า) ปริมาณที่ปรากฏในประชากรธรรมชาติ ซึ่งมีค่า NoA อยู่ระหว่าง 1.29 – 1.33 และ H ระหว่าง 0.027 – 0.036 (ศรีรัตน์ และพนม, 2541 ข)

ตารางที่ 1 ค่าเฮตเตอโรไซโกสซิติ (H) และจำนวนอัลลีล (NoA) เฉลี่ยต่อโลกัส ของ 3 สายพันธุ์เริ่มต้น

Table 1 Per locus averages of heterozygosities (H) and number of alleles (NoA) of the three initial stocks.

พันธุ์ (Stock)	จำนวนอัลลีล (NoA)	เฮตเตอโรไซโกสซิติ (H)
AAGRDI	1.36 (±0.11) ^a	0.043 (±0.018) [^]
Wild	1.20 (±0.10) ^a	0.023 (±0.014) [^]
Farm	1.44 (±0.13) ^a	0.036 (±0.016) [^]

หมายเหตุ : - ค่าที่แสดงในวงเล็บคือ standard errors (±S.E.)
- ค่าเฉลี่ยกำกับด้วยอักษรภาษาอังกฤษเหมือนกันในคอลัมน์เดียวกัน แสดงว่า ไม่มีนัยสำคัญในความแตกต่างทางสถิติ ($p>0.05$) ระหว่างค่าที่ถูกกำกับนั้น
- AAGRDI = พันธุ์สพก., Wild = พันธุ์ธรรมชาติจากแม่น้ำจันทบุรี, Farm = พันธุ์จากฟาร์มเอกชนจังหวัดเพชรบุรี

Remarks : - Values in parentheses are standard errors (±S.E.)
- Averages with same superscripts in the same column show no statistically significant differences ($p>0.05$) among them.
- AAGRDI = Aquatic Animal Genetics Research and Development Institute stock, Wild = Wild stock from Chanthaburi River, Farm = Phetchaburi private farm stock

นอกจากนี้ ตารางที่ 1 ยังแสดงค่า NoA และ H ที่ปรากฏในแต่ละประชากรของ 3 สายพันธุ์ว่าไม่มีนัยสำคัญในความแตกต่างทางสถิติ ($p>0.05$) ซึ่งกันและกัน ซึ่งแสดงถึงศักยภาพที่ทัดเทียมกันในการเป็นพ่อแม่พันธุ์ของประชากรทั้ง 3 สายพันธุ์

ดังนั้น ผลที่ปรากฏโดย ตารางที่ 1 ทั้งหมด จึงเป็นการแสดงว่า ประชากรทั้ง 3 สายพันธุ์นอกจากจะสามารถใช้เป็นพ่อแม่พันธุ์เริ่มต้นของการพัฒนาปรับปรุงพันธุ์ได้แล้ว ยังมีศักยภาพของการเป็นพ่อแม่พันธุ์ทัดเทียมกันอีกด้วย

ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของประชากรลูกพันธุ์ทั้ง 9 ครอส

ความแปรปรวนทางพันธุกรรม โดยค่าความผันแปรทางพันธุกรรม ได้แก่ ค่า NoA (จำนวนอัลลีล) และ H (เฮตเตอโรไซโกสซิติ) เฉลี่ยต่อโลกัส ของประชากรลูกพันธุ์ 9 ครอส ปรากฏตามที่แสดงใน ตารางที่ 2 ซึ่งแสดงค่า NoA อยู่ระหว่าง 1.11 (±0.07) – 1.53 (±0.14) และ H ระหว่าง 0.010 (±0.007) – 0.042 (±0.027) (ค่า H และ NoA ที่แต่ละอัลโลไซม์โลกัส ของการวิเคราะห์ตัวอย่างลูกพันธุ์ 9 ครอสที่จำนวน 19 อัลโลไซม์โลไซ ด้วยเทคนิคเครื่องหมายพันธุกรรมอัลโลไซม์ แสดงไว้ใน ตารางผนวกที่ 2 และ 3 ตามลำดับ)

ผลการวิเคราะห์ที่ปรากฏตาม ตารางที่ 2 แสดงปริมาณค่า NoA และ H อยู่ในระดับเดียวกับ (หรือไม่ต่ำกว่า) ปริมาณที่ปรากฏในประชากรธรรมชาติซึ่งมีค่า NoA อยู่ระหว่าง 1.29 – 1.33 และ H ระหว่าง 0.027 – 0.036 (ศรีรัตน์ และพนม, 2541 ข) และค่าที่ปรากฏในแต่ละครอสไม่แสดงนัยสำคัญในความแตกต่างทางสถิติ ($p>0.05$) ซึ่งกันและกัน จึงเป็นการยืนยันความสามารถของประชากรลูกพันธุ์ทั้ง 9 ครอส ว่า สามารถใช้เป็นประชากรเริ่มต้นของการพัฒนาปรับปรุงพันธุ์ได้โดยมีศักยภาพของการเป็นพ่อแม่พันธุ์ทดเทียมกัน เช่นเดียวกับที่ปรากฏในประชากรพ่อแม่ 3 สายพันธุ์

ตารางที่ 2 ค่าเฮตเตอโรไซโกสซิติ (H) และจำนวนอัลลีล (NoA) เฉลี่ยต่อโลกัส ของลูกพันธุ์ 9 ครอส

Table 2 Per locus averages of heterozygosities (H) and number of alleles (NoA) of all 9 crosses.

Cross	Male x Female	จำนวนอัลลีล (NoA) (Average ±S.E.)	เฮตเตอโรไซโกสซิติ (H) (Average ±S.E.)
T ₁	Wild x AAGRDI	1.11 (±0.07) ^a	0.011 (±0.008) ^A
T ₂	AAGRDI x Wild	1.26 (±0.10) ^a	0.042 (±0.027) ^A
T ₃	AAGRDI x Farm	1.16 (±0.09) ^a	0.010 (±0.007) ^A
T ₄	Farm x AAGRDI	1.32 (±0.13) ^a	0.016 (±0.007) ^A
T ₅	Wild x Farm	1.53 (±0.14) ^a	0.030 (±0.010) ^A
T ₆	Farm x Wild	1.26 (±0.13) ^a	0.026 (±0.013) ^A
T ₇	Farm x Farm	1.37 (±0.11) ^a	0.024 (±0.010) ^A
T ₈	Wild x Wild	1.21 (±0.10) ^a	0.018 (±0.009) ^A
T ₉	AAGRDI x AAGRDI	1.16 (±0.09) ^a	0.015 (±0.009) ^A

หมายเหตุ : เช่นเดียวกับหมายเหตุของ ตารางที่ 1

Remarks : Same as the remarks of Table 1

ด้วยผลที่ปรากฏออกมาเช่นเดียวกันระหว่างประชากรพ่อแม่ 3 สายพันธุ์ และประชากรลูกพันธุ์ 9 ครอสนี้ จึงสมควรสรุปได้ว่าปริมาณค่า NoA และ H ที่ปรากฏในประชากรลูกพันธุ์ 9 ครอส ยังอยู่ในระดับเดียวกัน หรือใกล้เคียงกันกับที่ปรากฏในประชากรพ่อแม่ 3 สายพันธุ์

ผลประโยชน์ที่เกิดขึ้น

(1) จากการศึกษาวิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมในประชากรพ่อแม่ 3 สายพันธุ์เริ่มต้น และในประชากรลูกพันธุ์ 9 ครอสซึ่งเกิดจากระบบการผสมข้าม (cross-breeding system) ของ 3 สายพันธุ์นั้น แล้วได้ผลปรากฏออกมาเหมือนกัน คือ ปริมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมระหว่างประชากรพ่อแม่ 3 สายพันธุ์ และระหว่างประชากรลูกพันธุ์ 9 ครอส ไม่มีความแตกต่างเหมือนกัน อีกทั้งระดับของปริมาณก็ยัง

อยู่ในระดับเดียวกันด้วย ซึ่งผลที่ปรากฏออกมาเช่นนี้ สมควรใช้เป็นข้อมูลหลักฐานเพื่อสรุปยืนยันผลที่จะเกิดจากการใช้เทคโนโลยีการผสมข้ามระหว่างต่างสายพันธุ์ได้ดังนี้คือ “ภายใต้ระบบการเพาะพันธุ์เดียวกัน ถ้าแต่ละประชากรของสายพันธุ์พ่อแม่ที่ใช้เป็นต้นกำเนิดในระบบการผสมข้ามระหว่างต่างสายพันธุ์ มีปริมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมไม่แตกต่างกัน ย่อมส่งผลให้ปริมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมระหว่างประชากรลูกพันธุ์ที่เกิดจากระบบการผสมข้ามนั้น จะไม่แตกต่างกันด้วย และจะยังคงอยู่ในระดับเดียวกับปริมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมของประชากรสายพันธุ์พ่อแม่ที่เป็นต้นกำเนิดนั่นเอง” ข้อสรุปดังกล่าวนี้ นับว่ามีประโยชน์มากสำหรับการใช้เทคโนโลยีการผสมข้าม เพื่อการพัฒนาพันธุ์ในระบบอุตสาหกรรม เพราะช่วยให้สามารถคาดเดาผลที่จะเกิดขึ้นในประชากรลูกพันธุ์จำนวนหลายครอสได้โดยไม่จำเป็นต้องวิเคราะห์ตัวอย่าง จึงช่วยลดขั้นตอนการดำเนินงาน ทำให้ประหยัดทั้งแรงงาน งบประมาณ และเวลา ลงเป็นอย่างมาก

(2) เนื่องจากเหตุผลหลักของการใช้เทคโนโลยีการผสมข้ามระหว่างต่างสายพันธุ์ก็คือ เพื่อพัฒนาคุณภาพของพันธุ์ให้ดียิ่งขึ้นทั้งในแง่ของการแสดงออกซึ่งลักษณะปรากฏที่ต้องการ และในด้านความหลากหลายทางพันธุกรรม ดังนั้นจึงจำเป็นต้องทราบว่า ในจำนวนคู่ผสมหรือครอสที่จะมีได้ในระบบการผสมข้ามนั้น คู่ผสมใดหรือครอสใดจะดีและเหมาะสมที่สุดสำหรับใช้เป็นพันธุ์เริ่มต้นของการคัดเลือกปรับปรุงพันธุ์ในแต่ละพื้นที่ต่อไป และด้วยเหตุนี้ การทดสอบเลี้ยงลูกพันธุ์ทุกครอสในพื้นที่จริงจึงต้องดำเนินการ (สุภัทรา และคณะ, 2549) เพื่อให้ทราบการแสดงออกซึ่งลักษณะปรากฏที่ต้องการต่อสภาพพื้นที่นั้น รวมทั้งต้องทำการวิเคราะห์เปรียบเทียบปริมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมในประชากรลูกพันธุ์แต่ละครอส (พนม และคณะ, 2549) เพื่อให้ทราบข้อมูลด้านความหลากหลายทางพันธุกรรม จึงจะทำได้สามารถเลือกคู่ผสมที่ดีและเหมาะสมที่สุดได้ โดยที่คู่ผสมนั้นจะต้องพร้อมไปด้วยคุณลักษณะทั้งในแง่การแสดงออกต่อการเพาะเลี้ยง (ซึ่งในกรณีนี้ ได้แก่ ลักษณะการเจริญเติบโต) และในด้านความหลากหลายทางพันธุกรรม

สำหรับการศึกษาวิเคราะห์ปริมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมในระบบการผสมข้ามระหว่างกุ้งก้ามกราม 3 สายพันธุ์ในครั้งนี้ ปรากฏผลว่า ประชากรลูกพันธุ์ทั้ง 9 ครอสที่เกิดจากระบบการผสมข้าม มีปริมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมไม่แตกต่างกัน (ตารางที่ 2) ซึ่งนับว่ามีประโยชน์มาก เพราะช่วยให้การเลือกคู่ผสมที่แสดงการเจริญเติบโตดีที่สุดจากการนำไปทดสอบเลี้ยงในแต่ละพื้นที่ เพื่อใช้เป็นพันธุ์เริ่มต้นในการคัดเลือกปรับปรุงพันธุ์ของแต่ละพื้นที่ต่อไปนั้น (สุภัทรา และคณะ, 2549) สามารถกระทำได้ง่าย และด้วยความมั่นใจ เพราะสามารถให้ความสนใจกับคุณลักษณะการแสดงออกด้านการเจริญเติบโตได้อย่างเต็มที่ โดยไม่ต้องกังวลในเรื่องคุณลักษณะด้านความหลากหลายทางพันธุกรรม เนื่องจากผลการวิเคราะห์ที่ปรากฏตาม ตารางที่ 2 คือการยืนยันปริมาณความหลากหลายทางพันธุกรรม ว่ามีทัดเทียมกันในทุกครอส การดำเนินงานจึงเป็นไปอย่างมีประสิทธิภาพ และเกิดประสิทธิผลสูงสุด

ผลจากการศึกษาของโครงการคู่ขนานทั้ง 2 โครงการ สามารถสรุปออกมาได้เป็น ตารางที่ 3 และด้วยข้อมูลที่แสดงไว้ใน ตารางที่ 3 นี้ ทำให้สามารถเลือกคู่ผสมที่ดีและเหมาะสมที่สุดสำหรับนำไปใช้เป็นพันธุ์เริ่มต้นของการคัดเลือกปรับปรุงพันธุ์ในแต่ละพื้นที่ต่อไป ได้ดังนี้

ตารางที่ 3 ข้อมูลเกี่ยวข้องกับทางพันธุกรรมที่แสดงโดยค่า เฮตเตอโรไซโกสซิตี (H) และจำนวนอัลลีล (NoA) เฉลี่ยต่อโลกัส (พนม และคณะ, 2549) และลักษณะการเจริญเติบโตโดยค่าความยาวและน้ำหนักที่อายุ 4 เดือน และเปอร์เซ็นต์เฮตเตอโรซิตี ของลูกพันธุ์ทั้ง 9 ครอสใน 4 พื้นที่แตกต่างกัน (สุภัทรา และคณะ, 2549)

Table 3 Genetic informations by heterozygosities (H) and number of alleles (NoA) (Sodsuk *et al.*, 2006), and growth performances at 4 months old and % heterosis of all 9 crosses in four different areas (Uraiwan *et al.*, 2006).

Environment (months)	Cross	Male x Female	Sodsuk <i>et al.</i> (2006)		Uraiwan <i>et al.</i> (2006)			
			H	NoA	Performance		% heterosis	
					Length	Weight	Length	Weight
Pathumthani (4)	T ₁	Wild x AAGRDI	0.011 ^A	1.11 ^a	11.473 ^c	19.799 ^a	3.79	10.80
	T ₂	AAGRDI x Wild	0.042 ^A	1.26 ^a	10.856 ^b	16.369 ^b		
	T ₃	AAGRDI x Farm	0.010 ^A	1.16 ^a	11.289 ^b	19.591 ^a	4.15	14.83
	T ₄	Farm x AAGRDI	0.016 ^A	1.32 ^a	10.860 ^b	15.832 ^b		
	T ₅	Wild x Farm	0.030 ^A	1.53 ^a	11.109 ^a	17.446 ^c	1.88	6.74
	T ₆	Farm x Wild	0.026 ^A	1.26 ^a	10.867 ^b	17.263 ^c		
	T ₇	Farm x Farm	0.024 ^A	1.37 ^a	10.661 ^a	15.360 ^b	-	-
	T ₈	Wild x Wild	0.018 ^A	1.21 ^a	10.909 ^b	17.157 ^c	-	-
	T ₉	AAGRDI x AAGRDI	0.015 ^A	1.16 ^a	10.605 ^a	15.487 ^b	-	-
Uttaradit (4)	T ₁	Wild x AAGRDI	0.011 ^A	1.11 ^a	12.982 ^a	24.354 ^a	5.52	15.47
	T ₂	AAGRDI x Wild	0.042 ^A	1.26 ^a	12.671 ^{ac}	24.449 ^a		
	T ₃	AAGRDI x Farm	0.010 ^A	1.16 ^a	13.140 ^a	23.977 ^a	10.14	9.16
	T ₄	Farm x AAGRDI	0.016 ^A	1.32 ^a	13.822 ^b	22.083 ^a		
	T ₅	Wild x Farm	0.030 ^A	1.53 ^a	12.500 ^{acc}	22.908 ^a	1.01	-0.93
	T ₆	Farm x Wild	0.026 ^A	1.26 ^a	12.002 ^c	20.681 ^a		
	T ₇	Farm x Farm	0.024 ^A	1.37 ^a	12.212 ^d	21.965 ^a	-	-
	T ₈	Wild x Wild	0.018 ^A	1.21 ^a	12.044 ^c	22.035 ^a	-	-
	T ₉	AAGRDI x AAGRDI	0.015 ^A	1.16 ^a	12.267 ^{cc}	20.230 ^a	-	-
Buriram (4)	T ₁	Wild x AAGRDI	0.011 ^A	1.11 ^a	11.552 ^{ac}	24.680 ^a	0.27	5.24
	T ₂	AAGRDI x Wild	0.042 ^A	1.26 ^a	11.486 ^a	23.680 ^a		
	T ₃	AAGRDI x Farm	0.010 ^A	1.16 ^a	12.040 ^b	26.876 ^a	3.90	13.07
	T ₄	Farm x AAGRDI	0.016 ^A	1.32 ^a	11.782 ^b	26.050 ^a		
	T ₅	Wild x Farm	0.030 ^A	1.53 ^a	11.604 ^{bc}	23.850 ^a	2.14	6.99
	T ₆	Farm x Wild	0.026 ^A	1.26 ^a	11.270 ^a	23.160 ^a		
	T ₇	Farm x Farm	0.024 ^A	1.37 ^a	11.170 ^a	22.400 ^b	-	-
	T ₈	Wild x Wild	0.018 ^A	1.21 ^a	11.224 ^a	21.540 ^c	-	-
	T ₉	AAGRDI x AAGRDI	0.015 ^A	1.16 ^a	11.753 ^{bc}	24.410 ^a	-	-
Chumphon (4)	T ₁	Wild x AAGRDI	0.011 ^A	1.11 ^a	11.564 ^a	15.965 ^{cd}	0.28	5.17
	T ₂	AAGRDI x Wild	0.042 ^A	1.26 ^a	11.650 ^a	19.245 ^b		
	T ₃	AAGRDI x Farm	0.010 ^A	1.16 ^a	11.573 ^a	18.465 ^a	0.78	2.77
	T ₄	Farm x AAGRDI	0.016 ^A	1.32 ^a	11.912 ^{bc}	18.520 ^{ab}		
	T ₅	Wild x Farm	0.030 ^A	1.53 ^a	11.155 ^a	15.119 ^d	-2.69	4.51
	T ₆	Farm x Wild	0.026 ^A	1.26 ^a	11.549 ^a	17.825 ^a		
	T ₇	Farm x Farm	0.024 ^A	1.37 ^a	11.743 ^{ac}	18.505 ^{ab}	-	-
	T ₈	Wild x Wild	0.018 ^A	1.21 ^a	11.588 ^a	15.995 ^{cd}	-	-
	T ₉	AAGRDI x AAGRDI	0.015 ^A	1.16 ^a	11.561 ^a	17.485 ^{ac}	-	-

หมายเหตุ : - ข้อมูลที่ระบุด้วยสีเข้มแต่ละแถว คือ ครอสที่มีการแสดงออกดีและเหมาะสมที่สุด สำหรับสภาพแวดล้อมนั้น ๆ
 - ค่าที่กำกับด้วยอักษรอังกฤษต่างกันในกลุ่มเดียวกันของสภาพแวดล้อมเดียวกัน แสดงความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติในระหว่างค่าที่ถูกกำกับนั้น ($p < 0.05$)

Remarks : - The rows of highlighted data show the best performing crosses most suitably for the relevant environments.
 - Values with different superscripts in the same column of the same environment show statistically significant differences between them ($p < 0.05$).

- ปทุมธานี กลุ่มสมระหว่าง พันธุ์สพก. (เพศเมีย) x พันธุ์ธรรมชาติจากแม่น้ำจันทบุรี (เพศผู้)
- อุดรดิตถ์ กลุ่มสมระหว่าง พันธุ์สพก. (เพศเมีย) x พันธุ์จากฟาร์มเอกชนจังหวัดเพชรบุรี (เพศผู้)
- บุรีรัมย์ กลุ่มสมระหว่าง พันธุ์สพก. (เพศผู้) x พันธุ์จากฟาร์มเอกชนจังหวัดเพชรบุรี (เพศเมีย)
(หรือ) พันธุ์สพก. (เพศเมีย) x พันธุ์จากฟาร์มเอกชนจังหวัดเพชรบุรี (เพศผู้)
- ชุมพร กลุ่มสมระหว่าง พันธุ์สพก. (เพศเมีย) x พันธุ์จากฟาร์มเอกชนจังหวัดเพชรบุรี (เพศผู้)

กิตติกรรมประกาศ

คณะผู้วิจัยขอขอบคุณเจ้าหน้าที่ของกลุ่มวิจัยเทคโนโลยีชีวภาพสัตว์น้ำจืด กลุ่มวิจัยเทคโนโลยีชีวภาพสัตว์ทะเลและชายฝั่ง และศูนย์วิจัยและทดสอบพันธุ์สัตว์น้ำอุดรดิตถ์ บุรีรัมย์ เพชรบุรี และชุมพร ซึ่งมีส่วนช่วยให้งานวิจัยเสร็จสมบูรณ์

โครงการวิจัยนี้ได้รับทุนสนับสนุนจาก 2 แหล่ง คือ กรมประมง (งบประมาณ ภายใต้กิจกรรมวิจัยการเพาะเลี้ยงและปรับปรุงพันธุ์) รหัสทะเบียนวิจัยเลขที่ 45-0602-45104 และ SEAFDEC/AQD ซึ่งคณะผู้วิจัยขอขอบคุณไว้ ณ ที่นี้

เอกสารอ้างอิง

- พนม กระจำพจน์ สอดสุข, สุภัทรา อุไรวรรณ และ ศิริรัตน์ สอดสุข. 2548. วิเคราะห์ความแปรปรวนทางพันธุกรรมโดยใช้โมเลกุลเครื่องหมายในกระบวนการคัดเลือกปรับปรุงพันธุ์กุ้งกุลาดำ. เอกสารวิชาการฉบับที่ 5/2548 สถาบันวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ กรมประมง กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. 14 หน้า.
- พนม กระจำพจน์ สอดสุข, ขงยุทธ ทักษิณ, ศิริรัตน์ สอดสุข, สุภัทรา อุไรวรรณ, สุรพงษ์ วิวัชร โกเศศ และ สุทัศน์ เผือกจิน. 2544. ตรวจสอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมในปลานิลจิตรลดาสายพันธุ์ปรับปรุง 3 สายพันธุ์ โดยใช้เทคนิคอัลโลไซม์อิเล็กโตรโฟเรซิส. ว. สงขลานครินทร์ วทท. 23(3) : 351-363.
- พนม กระจำพจน์ สอดสุข, สุภัทรา อุไรวรรณ และ ศิริรัตน์ สอดสุข. 2549. วิเคราะห์เปรียบเทียบความแปรปรวนทางพันธุกรรมโดยใช้เครื่องหมายพันธุกรรมอัลโลไซม์ระหว่างประชากรกุ้งก้ามกรามที่เกิดจากระบบการผสมข้ามของ 3 สายพันธุ์. ใน รายงานการประชุมวิชาการประมง ประจำปี 2549, หน้า 116-128. กรมประมง ร่วมกับ ศูนย์พัฒนาการประมงแห่งเอเชียตะวันออกเฉียงใต้, วันที่ 25-27 กรกฎาคม 2549 ณ ห้องประชุม กรมประมง.
- ศิริรัตน์ สอดสุข. 2539. ความแตกต่างและโครงสร้างทางพันธุกรรมของกุ้งกุลาดำในประเทศไทย. เอกสารวิชาการฉบับที่ 12/2539 สถาบันวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ กรมประมง. 19 หน้า.
- ศิริรัตน์ สอดสุข และ พนม กระจำพจน์ สอดสุข. 2541 ก. ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรกุ้งแชบ๊วยจาก 3 แหล่งในประเทศไทย. เอกสารวิชาการฉบับที่ 17/2541 สถาบันวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ กรมประมง. 45 หน้า.

ศรีรัตน์ สอดสุข และ พนม กระจ่างพจน์ สอดสุข. 2541 ข. ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรกุ้งก้ามกรามจาก 3 แหล่งในประเทศไทย. เอกสารวิชาการฉบับที่ 18/2541 สถาบันวิจัยและพัฒนาพันธุกรรมสัตว์น้ำ กรมประมง. 40 หน้า.

สุภัทรา อุไรวรรณ, พนม กระจ่างพจน์ สอดสุข, ศรีรัตน์ สอดสุข, วิศณุพร รัตนตรัยวงศ์, สมศักดิ์ รุ่งทองใบสุรีย์, ธนัญญ์ สังกรชนกิจ และ กฤษณพันธ์ โกเมนไพบรินทร์. 2549. ทดสอบคุณสมบัติด้านการเจริญเติบโตของกุ้งก้ามกรามที่ได้จากวิธีการผสมสลับ 3 สายพันธุ์. ใน รายงานการประชุมวิชาการประมง ประจำปี 2549, หน้า 129-143. กรมประมง ร่วมกับ ศูนย์พัฒนาการประมงแห่งเอเชียตะวันออกเฉียงใต้, วันที่ 25-27 กรกฎาคม 2549 ณ ห้องประชุม กรมประมง.

Allendorf, F.W. and N. Ryman. 1987. Genetic management of hatchery stocks, pp. 141-159. *In* N. Ryman and F. Utter (eds.). *Population Genetics & Fisheries Management*. University of Washington Press, Seattle. 419 p.

Falconer, D.S. 1981. *Introduction to Quantitative Genetics*, 2nd ed. Longman, London.

Kincaid, H.L. 1983. Inbreeding in fish populations used for aquaculture. *Aquaculture* 33 : 215-227.

Shaklee, J.B., F.W. Allendorf, D.C. Morizot and G.S. Whitt. 1990. Gene nomenclature of protein-coding loci in fish. *Trans. Am. Fish. Soc.* 119 : 2-15.

Sodsuk, P.K., S. Uraiwan and S. Sodsuk. 2006. Allozyme marker based comparison on genetic variation among *Macrobrachium rosenbergii* populations produced from a cross-breeding system of three different stocks. *In* Proceeding of the Conference on Fisheries 2006, pp. 116-128. Department of Fisheries and Southeast Asian Fisheries Development Center, July 25-27 2006 at Department of Fisheries.

Sokal, R.R. and F.J. Rohlf. 1981. *Biometry*, 2nd ed. W.H. Freeman, San Francisco. 859 p.

Swofford, D.L. and R.B. Selander. 1989. *BIOSYS-1: A Computer Program for the Analysis of Allelic Variation in Population Genetics and Biochemical Systematics*. D.L. Swofford, Illinois Natural History Survey. 43 p.

Uraiwan, S., P.K. Sodsuk, S. Sodsuk, W. Rattanatriwong, S. Rungtongbaisuree, T. Sangkontanakit and K. Komanpririn. 2006. Growth tests of giant freshwater prawn, *Macrobrachium rosenbergii*, by a reciprocal cross of three different stocks. *In* Proceeding of the Conference on Fisheries 2006, pp. 129-143. Department of Fisheries and Southeast Asian Fisheries Development Center, July 25-27 2006 at Department of Fisheries.

Ward, R.D. and P.M. Grewe. 1995. Appraisal of molecular genetic techniques in fisheries. *In* G.R. Carvalho and T.J. Pitcher (eds.), pp. 29-54. *Molecular Genetics in Fisheries*. Chapman and Hall, London.

Ward, R.D., M. Woodwark and D.O.F. Skibinski. 1994. A comparison of genetic diversity levels in marine, freshwater, and anadromous fishes. *Journal of Fish Biology* 44 : 213-232.

Wilkinson, L., M. Hill, J.P. Welna and G.K. Birkenbeuel. 1992. *SYSTAT for Windows Statistics, Version 5 Edition*. Evanston, IL : SYSTAT, Inc.

ภาคผนวก

ตารางผนวกที่ 1 ค่าเฮตเตอโรไซโกสซิติ (H) และจำนวนอัลลีล (NoA) ในแต่ละประชากรของพ่อแม่ 3 สายพันธุ์
ที่จำนวน 25 อัลโลไซม์โลไซ

Appendix Table 1 Observable heterozygosities (H) and number of alleles (NoA) of the three stocks (the AAGRDI,
wild and private farm)

Allozyme locus/ci	Heterozygosities (H)			Number of alleles (NoA)		
	AAGRDI	Wild	Private farm	AAGRDI	Wild	Private farm
1. <i>AAT-1</i> *	0	0	0	1	1	1
2. <i>AAT-2</i> *	0.033	0.050	0.034	2	2	2
3. <i>ACP-1</i> *	0	0	0	1	1	1
4. <i>ACP-2</i> *	0	0	0	1	1	1
5. <i>ALAT</i> *	0.037	0	0	2	1	1
6. <i>EST</i> *	0	0	0	1	1	1
7. <i>ESD</i> *	0.080	0	0	2	1	2
8. <i>FBALD-1</i> *	0	0	0	1	1	1
9. <i>FBALD-2</i> *	0	0	0	1	1	1
10. <i>G3PDH-1</i> *	0	0	0	1	1	1
11. <i>G3PDH-2</i> *	0	0	0	1	1	1
12. <i>G6PDH</i> *	0	0	0.037	1	1	2
13. <i>GPI</i> *	0.100	0.050	0.067	2	2	3
14. <i>HK-1</i> *	0	0	0	1	1	1
15. <i>HK-2</i> *	0	0	0	1	1	1
16. <i>IDHP</i> *	0.250	0.316	0.069	3	3	2
17. <i>LDH</i> *	0	0	0	1	1	1
18. <i>MDH-1</i> *	0	0	0	1	1	1
19. <i>MDH-2</i> *	0.367	0	0.233	2	1	2
20. <i>MEP</i> *	0.100	0.158	0.333	2	2	3
21. <i>MPI</i> *	0	0	0.033	1	1	2
22. <i>PGDH</i> *	0	0	0	1	1	1
23. <i>PGM</i> *	0.100	0	0.103	2	1	2
24. <i>XDH</i> *	0	0	0	1	1	1
25. <i>ODH</i> *	0	0	0	1	1	1
Average (±S.E.)	0.043 (±0.018)	0.023 (±0.014)	0.036 (±0.016)	1.36 (±0.11)	1.20 (±0.10)	1.44 (±0.13)

ตารางผนวกที่ 2 ค่าเฮตเตอโรไซโกสซิติ (H) ในแต่ละประชากรของลูกพันธุ์ 9 ครอส ที่จำนวน 19 อัลโลไซม์โลไซ

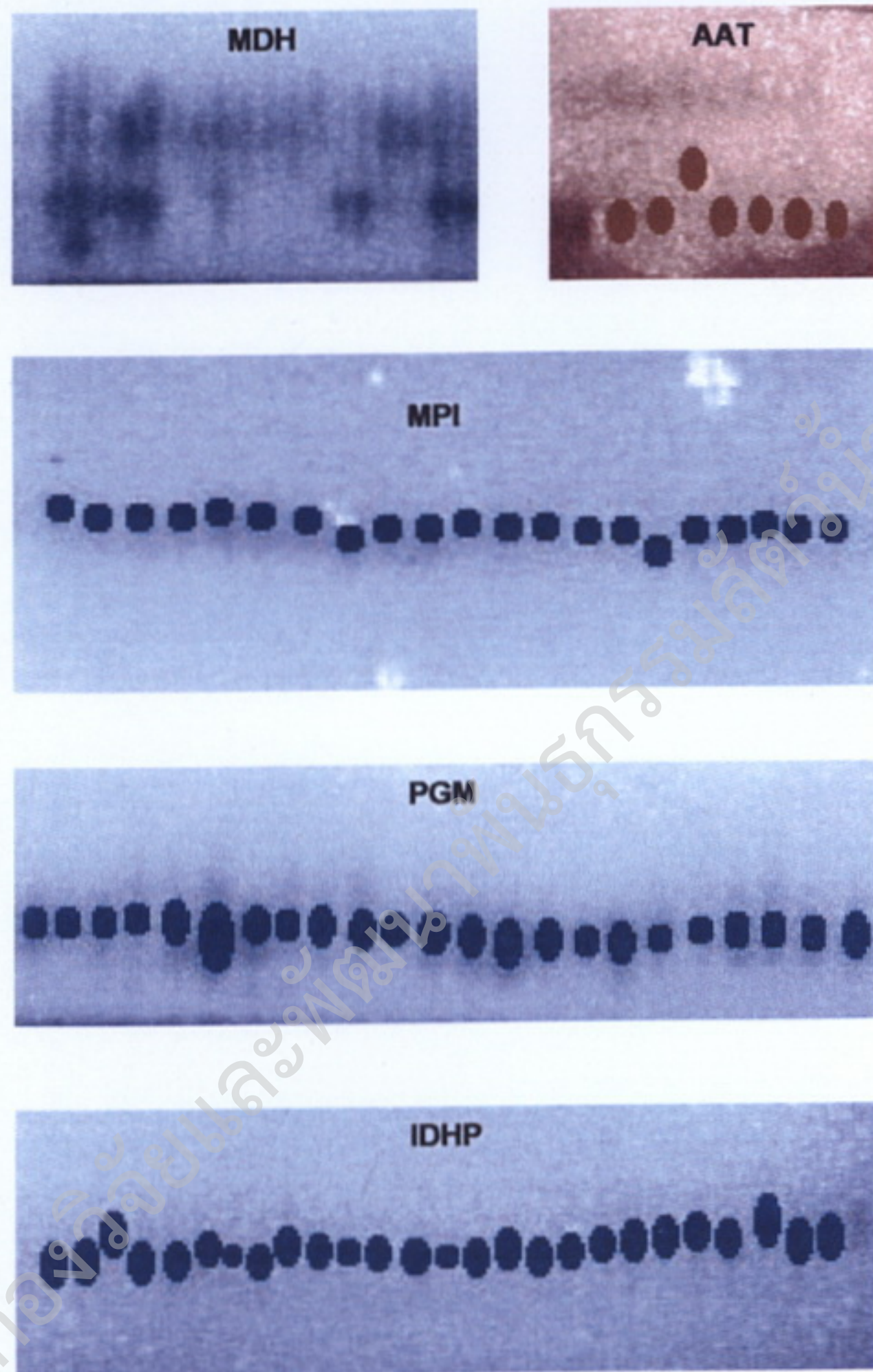
Appendix Table 2 Observable heterozygosities (H) of each progeny population of 9 crosses.

Allozyme locus/ci	Heterozygosities								
	T ₁	T ₂	T ₃	T ₄	T ₅	T ₆	T ₇	T ₈	T ₉
1. AAT-1*	0	0.067	0	0	0	0	0	0	0.111
2. AAT-2*	0	0	0.100	0	0	0	0	0	0
3. ACP*	0	0	0	0	0	0	0	0	0
4. AK*	0	0	0	0	0.100	0	0.053	0	0
5. EST*	0	0	0	0	0	0	0	0	0
6. ESD-1*	0	0	0	0.050	0	0	0	0	0
7. ESD-2*	0	0	0	0	0	0	0.053	0	0
8. GPI*	0	0	0	0	0	0	0	0	0
9. MPI*	0.060	0	0	0	0.050	0	0.150	0.060	0
10. PGDH*	0	0	0	0	0	0	0	0	0
11. XDH*	0	0	0	0	0	0	0	0	0
12. IDHP*	0	0	0	0	0.050	0	0.100	0	0.067
13. G3PDH*	0	0.500	0	0.050	0.118	0.200	0	0.133	0
14. G6PDH*	0	0	0	0	0	0	0	0	0
15. HK*	0	0	0	0	0.105	0.050	0	0	0
16. MDH-1*	0	0.118	0	0.056	0	0	0	0	0
17. MDH-2*	0.143	0.059	0	0.100	0.105	0.150	0.050	0.067	0.111
18. LDH*	0	0	0	0	0	0	0	0	0
19. PGM*	0	0.059	0.083	0.056	0.050	0.100	0.050	0.067	0
Average (±S.E.)	0.011 (±0.008)	0.042 (±0.027)	0.010 (±0.007)	0.011 (±0.008)	0.030 (±0.010)	0.026 (±0.013)	0.024 (±0.010)	0.018 (±0.009)	0.015 (±0.009)

ตารางผนวกที่ 3 ค่าจำนวนอัลลีล (NoA) ในแต่ละประชากรของลูกพันธุ์ 9 ครอส ที่จำนวน 19 อัลโลไซม์โลไซ

Appendix Table 3 Number of alleles (NoA) of each progeny population of 9 crosses.

Allozyme locus/ci	Number of alleles								
	T ₁	T ₂	T ₃	T ₄	T ₅	T ₆	T ₇	T ₈	T ₉
1. AAT-1*	1	2	1	1	1	1	1	1	2
2. AAT-2*	1	1	2	1	1	1	1	1	1
3. ACP*	1	1	1	1	1	1	1	1	1
4. AK*	1	1	1	1	2	1	2	1	1
5. EST*	1	1	1	1	1	1	1	1	1
6. ESD-1*	1	1	1	2	2	1	1	1	1
7. ESD-2*	1	1	1	1	1	1	2	1	1
8. GPI*	1	1	1	1	1	1	1	1	1
9. MPI*	2	1	1	1	2	1	2	2	1
10. PGDH*	1	1	1	1	1	1	1	1	1
11. XDH*	1	1	1	1	1	1	1	1	1
12. IDHP*	1	1	1	1	2	1	2	1	2
13. G3PDH*	1	2	2	3	3	3	2	2	1
14. G6PDH*	1	1	1	1	1	1	1	1	1
15. HK*	1	1	1	1	2	2	1	1	1
16. MDH-1*	1	2	1	2	2	1	1	1	1
17. MDH-2*	2	2	1	2	2	2	2	2	2
18. LDH*	1	1	1	1	1	1	1	1	1
19. PGM*	1	2	2	2	2	2	2	2	1
Average (±S.E.)	1.11 (±0.07)	1.26 (±0.10)	1.16 (±0.09)	1.32 (±0.13)	1.53 (±0.14)	1.26 (±0.13)	1.37 (±0.11)	1.21 (±0.10)	1.16 (±0.09)



ภาพผนวกที่ 1 ตัวอย่างแบนด์จากเทคนิคเครื่องหมายพันธุกรรมอัลโลไซม์ในกุ้งก้ามกราม ซึ่งเป็นแบนด์ที่เกิดจากปฏิกิริยาการย้อมทางเคมีชีวภาพ MDH, AAT, MPI, PGM และ IDHP

Appendix Figure 1 Sample of bands from the allozymically genetic marker technique in *Macrobrachium rosenbergii*. The bands were resolved with biochemical staining for five enzymes, MDH, AAT, MPI, PGM and IDHP.